

研究论文

板栗群体的遗传多样性及人工选择的影响

张辉; 柳鋈

中国林业科学院林业研究所, 北京100091

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 2003-8-14 9:41:00 接受日期

摘要 利用水平板淀粉凝胶电泳技术对板栗9个群体11个种同工酶系统的12个酶位点进行分析, 结果表明板栗(*Castanea mollissima*)为多态性物种, 遗传变异水平较高, 其多态位百分率为71.3%每个位点的等位基因平均数为2.27, 平均期望杂合值为0.346; 总的基因多样性中, 89.3%发生于群体内, 各群体之间的遗传距离为0.010~0.177; 对各等位基因频率进行PCA分析, 筛选出较合适的基因标记位点及构建了板栗遗传结构的变异模式。在综合前人研究的基础上, 初步探讨了人工选择对板栗遗传多样性的影响, 初步推测出西南为板栗遗传多样性中心。

关键词 [板栗](#) [遗传多样性](#) [人工选择](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: 张辉; 柳鋈

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (453KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“板栗”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
 - [张辉](#)
 - [柳鋈](#)